

1/5

	10	20	30	40	50
GFP	MSKGEELFTGVVPILVELDGDVNGHKFSVSGEGEGDATYGKLT	TLKFICTTGKLPVP.	.WPT		
DsRed	MRSSKNVIKEFMRFKVRMEGTVNGHEFEIEGEGEGRPYEGHNTVK	LKVTKGG.	PLPFAWDI		
ppluGFP1	MPAMKIECRISGTLNGVVFELVGGGEGEIQGRMTNKMKSTKGA.	LTFSPYL			
ppluGFP2	-----T-----E-----T-----				
laesGFP	--V-----M--EE--A-D-NTDE-----				P-S----
pmeaGFP1	--D--L--H--M--EE--I-A-D-NTDE-----				I--.PIS----
pmeaGFP2	--D--L--H--M--EE--I-S-D-NTD-----				N--I--.P-S----
pmedGFP1	--N--L-----M--EE--A--NTDE-----				.P-S----
pmedGFP2	--H--L-----M--EE--A-D-NTDE-----				Q-----.P-S----
pdae1GFP	-A-----T-M--E-----NTD-----				.P-S----

	60	70	80	90	100	110
GFP	LVTTFSYGVQCFSRYPDHMKQHDFFKSAMPEGYVQERTIFFKDDG	NYKTRA	EVKFEGDT			
DsRed	LSPQFQYGSKVYVKHPADIP.	DYKKLSFPEGFKWERVMNFEDGGVVTVTQDSSLQDGC				
ppluGFP1	LSHVMGYGFYHFGTYP	SGYEN.	PFLHAANNNGGYTNTRIEKYEDGGVLHVSFSYRYEAGR			
ppluGFP2	-----I-----					
laesGFP	---I-----YA-F-A---.VY---K-----T-R-----					IIS-N-T---GNK
pmeaGFP1	---IL---Y---A-F-A---.IY---MK---S-V-T-R-----					IISIT-N---GNK
pmeaGFP2	---IL---Y---A-F-A---.IY---MK---S-V-T-R-----					IISIT-N---GSK
pmedGFP1	---L---Y---YA-F-A---.VY---MK---S---T-R-----					IISAT-N---GRQ
pmedGFP2	---L---Y---YA-F-A---.VY---MK---S---T-R-D---					IISAT-N---GRQ
pdae1GFP	-----F-----.YV--MT-----S-----					YLT-N---LDGNK

	120	130	140	150	160	170
GFP	LVNRIELKGIDFKEDGNILGHKLEYNYNSHNVYIMADKQKNGIKV	NFKIRHNIEDGSVQL				
DsRed	FIYKVKFIGVNFPSDGPVMQ.	KKTMGWEASTERLYP.	RDGVLKGEIHKALKLKDGGHYL			
ppluGFP1	VIGDFKVVGTGFPEDS.	VIFTDKIIRS	NATVEHLHP.	MGDNVLVGSFARTFSLRDGGYYS		
ppluGFP2	-----					
laesGFP	-----S--AN-.-----K--P-C--IY-.K--I--NAYT--					WM-----
pmeaGFP1	I-----TN-.L-----K--P-C-NMF-.KA--T--NAYT--					YL-K-----
pmeaGFP2	I-----I-----T-.L-----K--P-C-NMF-.KA--I--NAYT--					YL-K-----
pmedGFP1	IH-----A-.X-----K--P-C--IY-.KAN-I--NAYT--					WM-----
pmedGFP2	IH-----A-.I-----K--P-C--IY-.KAD-I--NAYT--					WM-----
pdae1GFP	I-----C-----K--PNC--FY-.AE-IMKNAYM--					L-----

	180	190	200	210	220	230
GFP	ADHYQQNTPIGDG.	PVLLPDNHYLSTQSALS	KDPNEKRDHMLLEFVTAAGITHGMDELYK			
DsRed	VEFKSIYMAKK...	PVQLPGYYYVDSKLDITSHNEDYT.	IVEQYERTEGRHHLFL			
ppluGFP1	FVVDSHMHFKSAIHPSILQNGGSMFAFRRVEELHSNT.	ELGIVEYQHAFKTP	TAFA			
ppluGFP2	-----P-----					
laesGFP	AQ-NN-L--T-M--TM-----TY-K-----QS..DV-----					V-----
pmeaGFP1	AQ-NN-----TTM-----TY-V--T-TQN..VA-----					NV-----
pmeaGFP2	AQ-NN-----TM-----TH-V--N-TK..NVA-----					NV-----
pmedGFP1	AQ-NN--LQ----TM-K-----TY-K-----TQ..-V-----					V--R-----
pmedGFP2	AQ-NN--FK----TM-----TY-K-----TQ..-V-----					V--R-----
pdae1GFP	GQ-T--I---N-----H-----TY-----TQ..D-----					V-----

FIG. 1

2/5

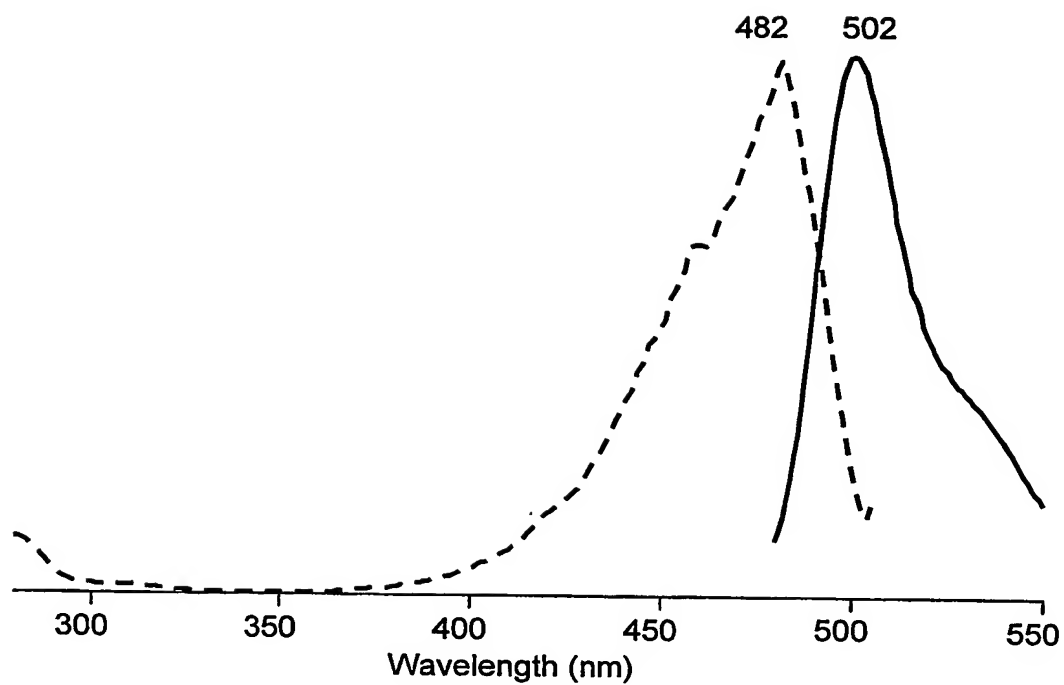


FIG. 2

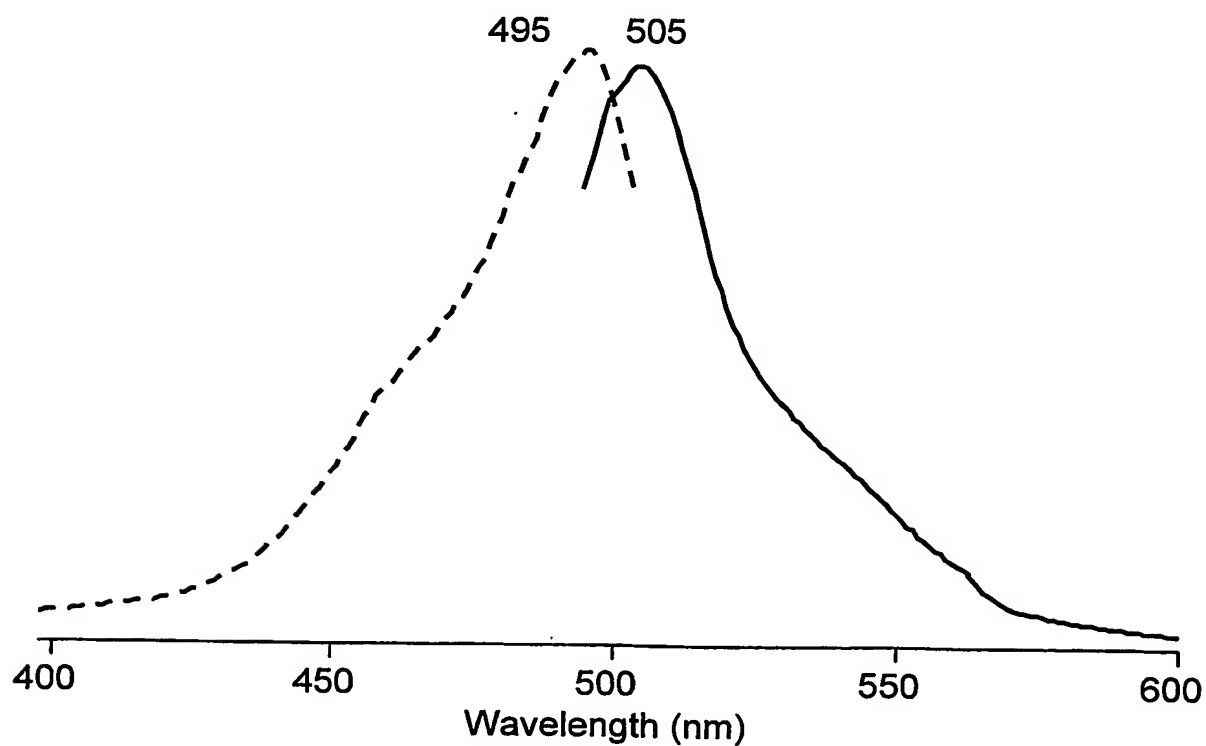
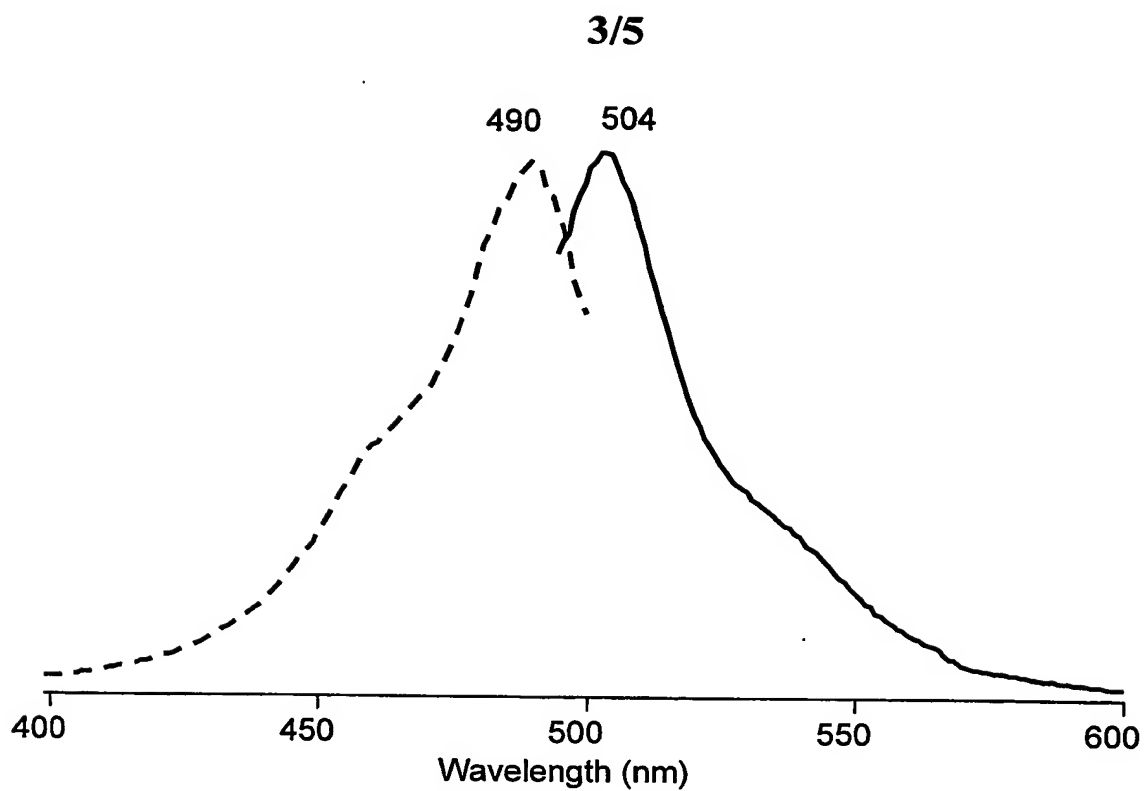
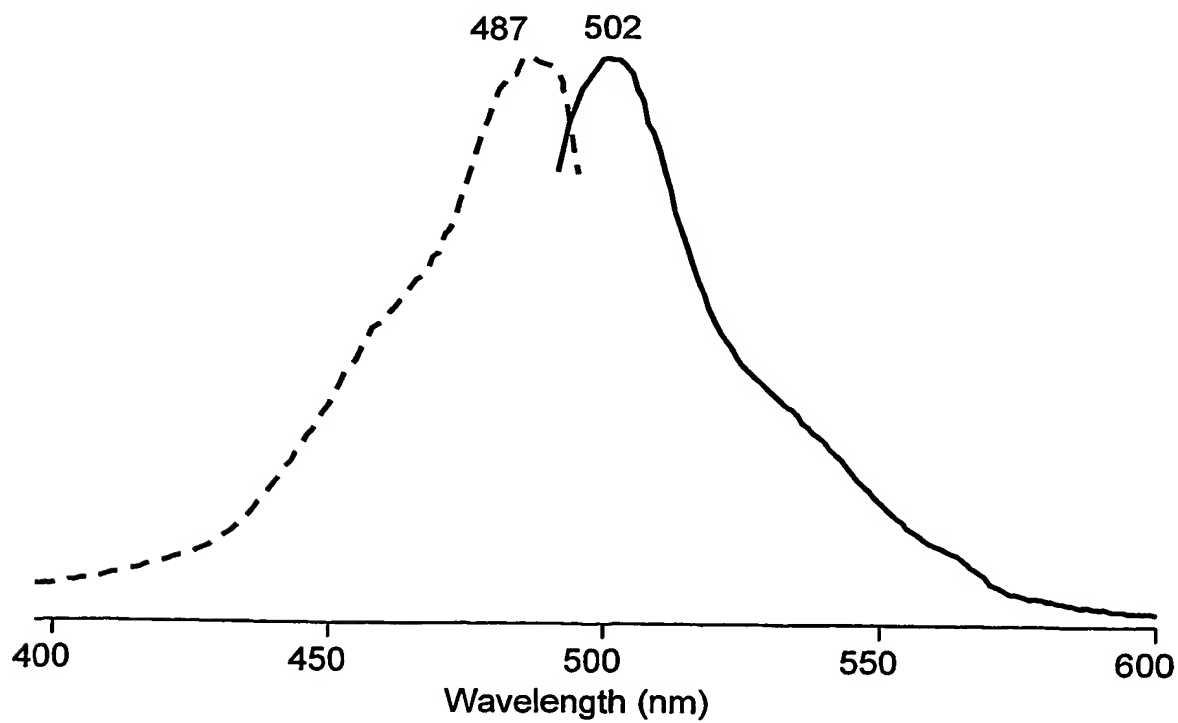
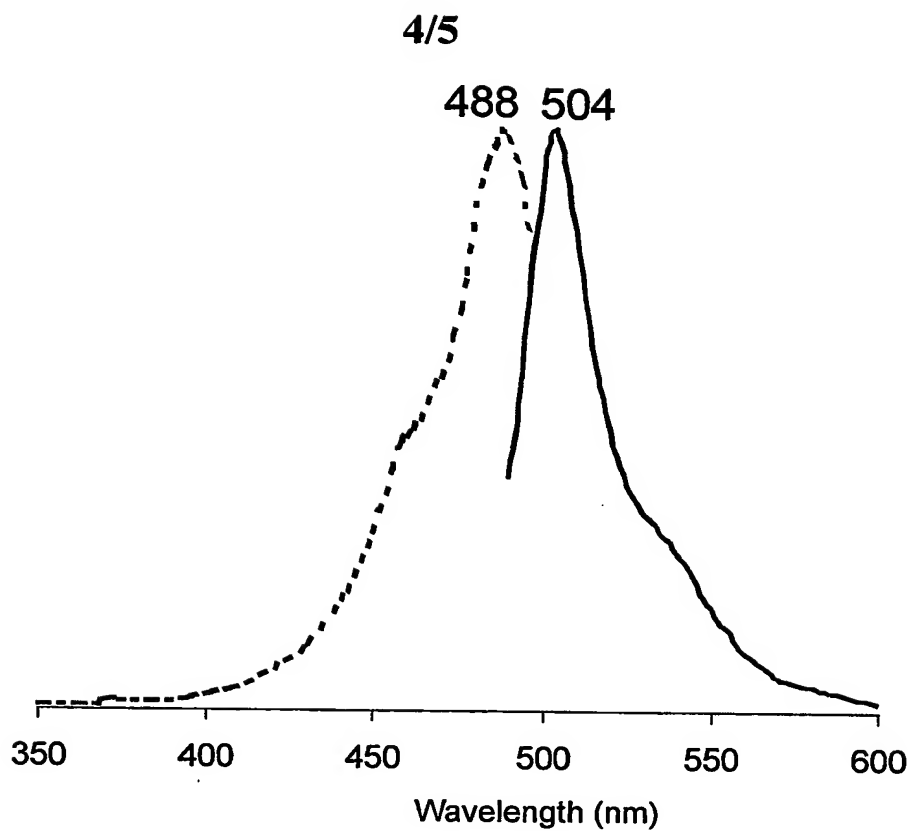
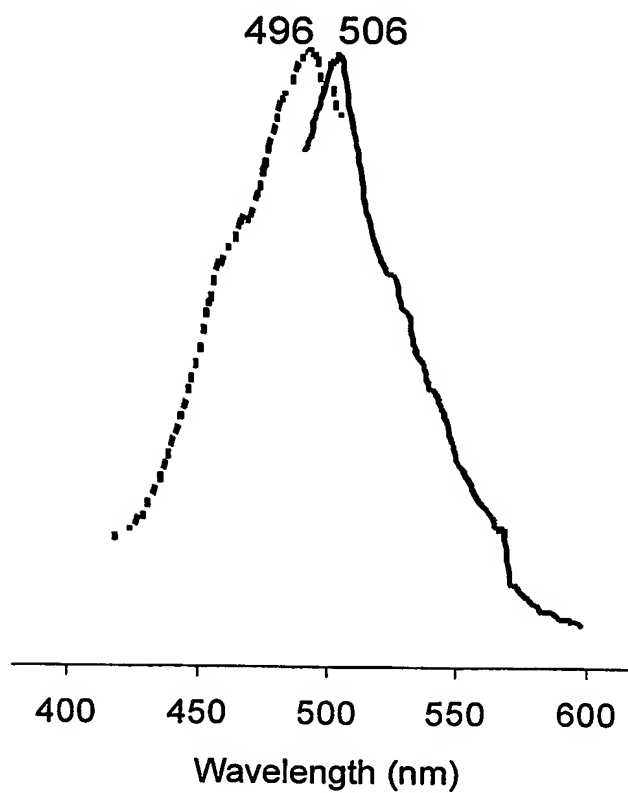


FIG. 3

**FIG. 4****FIG. 5**

**FIG. 6****FIG. 7**

5/5

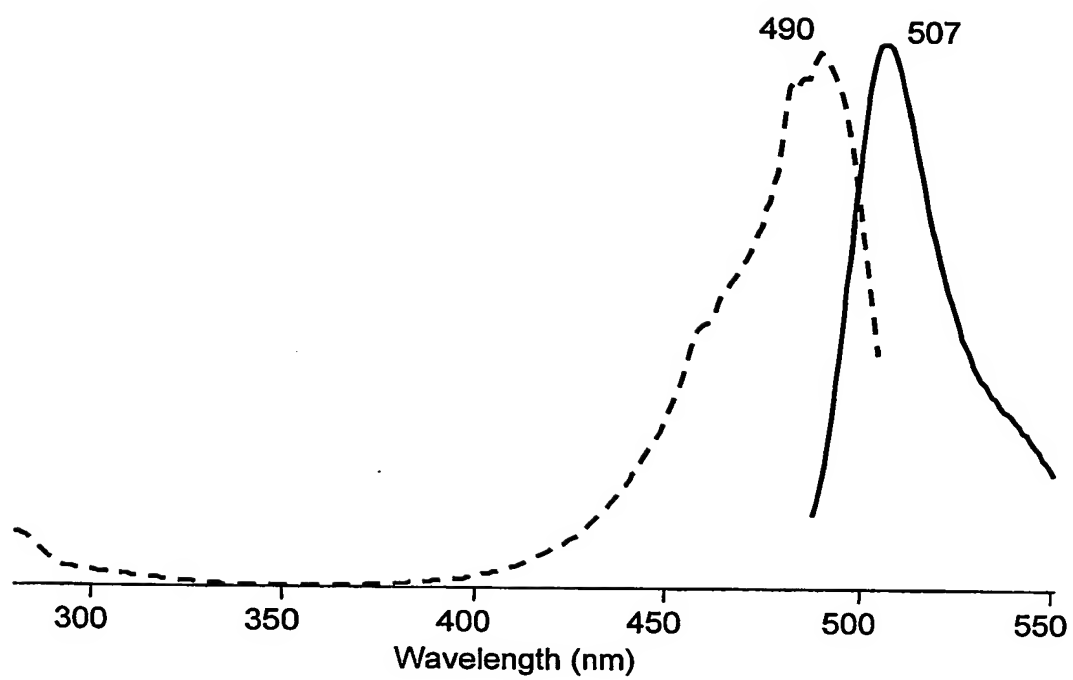


FIG. 8

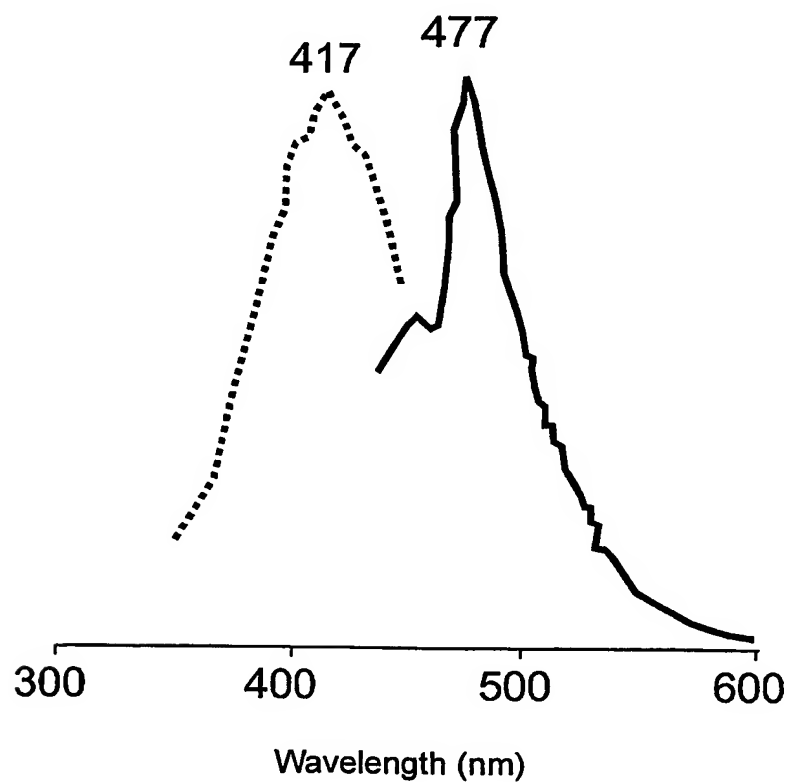


FIG. 9